

目次

基于时间序列分解的京津冀区域PM_{2.5}和O₃空间分布特征姚青,丁净,杨旭,蔡子颖,韩素芹 (2487)

基于随机森林的北京城区臭氧敏感性分析周红,王鸣,柴文轩,赵昕 (2497)

基于随机森林模型的四川盆地臭氧污染预测杨晓彤,康平,王安怡,臧增亮,刘浪 (2507)

海口市臭氧浓度统计预报模型的构建与效果评估符传博,林建兴,唐家翔,丹利 (2516)

京津冀地区2015~2020年臭氧浓度时空分布特征及其健康效益评估高冉,李琴,车飞,张艳平,祖永刚,刘芬 (2525)

2022年北京市城区PM_{2.5}水溶性离子含量及其变化特征陈圆圆,崔迪,赵泽熙,常森,景宽,沈秀娥,刘保献 (2537)

郑州市冬春季PM_{2.5}中金属元素污染特征、来源及健康风险评估陶杰,闫慧姣,徐艺斐,荆海涛 (2548)

淄博市供暖前后PM_{2.5}中多环芳烃及其衍生物污染特征、来源及健康风险孙港立,吴丽萍,徐勃,高玉宗,赵雪艳,姬亚芹,杨文 (2558)

西安市采暖季过渡期高时间分辨率细颗粒物组分特征及来源解析李萌津,张勇,张倩,田杰,李丽,刘卉昆,冉伟康,王启元 (2571)

天津冬季两个典型污染过程高浓度无机气溶胶成因及来源分析卢苗苗,韩素芹,刘可欣,唐晓,孔磊,丁净,樊文雁,王自发 (2581)

基于空间尺度效应的山东省PM_{2.5}浓度时空变化及空间分异地理探测徐勇,韦梦新,邹滨,郭振东,李沈鑫 (2596)

我国典型化工行业VOCs排放特征及其对臭氧生成潜势武婷,崔焱文,肖成德,翟增秀,韩萌 (2613)

廊坊秋季大气污染过程中VOCs二次气溶胶生成潜势及来源分析张敬巧,刘铮,丁文文,朱瑶,曹婷,凌德印,王淑兰,王宏亮 (2622)

景观格局对河流水质影响的尺度效应Meta分析王玉仓,杜晶晶,张禹,吴昊,胡敏韵,陈丁江 (2631)

白洋淀夏季汛期入淀河流水体溶解性有机物的光谱特征及来源孟佳靖,婁红,陈哲,周石磊,底怡玲,武辰彬,王晨光,张家丰,崔建升 (2640)

北京市丰台区永定河以东浅层地下水水化学演变规律及成因分析胡昱欣,周瑞静,宋炜,杨全合,王鑫茹 (2651)

庐庐断裂带(安徽段)浅层地下水水化学特征、控制因素及水质评价刘海,魏伟,宋阳,徐洁,管政亭,黄健敏,赵国红 (2665)

农药施用对兴凯湖水中农药残留的影响及其风险评价王蔚青,徐雄,刘权震,林利华,吕婧,王东红 (2678)

黄河兰州段河岸带土壤中微生物与耐药基因的赋存特征韦程宸,魏枫沂,夏慧,黄魁 (2686)

基于多源数据的巢湖蓝藻水华时空分布及驱动因素分析金晓龙,邓学良,戴睿,徐倩倩,吴月,范裕祥 (2694)

再生水构建水环境中沉水植物附着细菌群落特征贺赞,李雪梅,李宏权,魏琳琳,姜春晖,姜大伟,李魁晚 (2707)

水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响梅渝,黄平,王鹏,朱凯 (2715)

银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系蒙俊杰,刘双羽,邱小琼,周瑞娟 (2727)

热水解时间对污泥厌氧消化系统微生物群落结构影响分析张含,张涵,王佳伟,高金华,文洋,李相昆,任征然 (2741)

市政污水中吗啡来源辨析邵雪婷,赵悦彤,蒋冰,裴伟,李彦莹,谭冬芹,王德高 (2748)

溱沔河流域生态环境动态遥感评价李艳翠,袁金国,刘博涵,郭豪 (2757)

黄河流域生态系统服务价值时空演化及影响因素王奕洪,洪学莹 (2767)

基于贝叶斯网络的生态系统服务权衡协同关系强度及其空间格局优化:以汾河流域为例蔡进,危小建,江平,梁玉琦 (2780)

贵州高原典型喀斯特县域生境质量时空演变及定量归因李月,冯霞,吴路华,罗光杰,罗红芬 (2793)

2000~2021年黄土高原生态分区NEP时空变化及其驱动因子周怡婷,严俊霞,刘菊,王璞 (2806)

基于SSP-RCP情景的黄土高原土地变化模拟及草原碳储量崔霞,董燕,张露尹,王荣耀 (2817)

京津冀城市群建设用地扩张多情景模拟及其对生态系统碳储量的影响武爱彬,陈辅国,赵艳霞,秦彦杰,刘欣,郭小平 (2828)

西南岩溶区土地利用变化对团聚体稳定性及其有机碳的影响江可,贾亚男,杨琰,陈坚淇,禹朴家 (2840)

不同土地利用方式下土壤有机质分子组成变化的整合分析黄世威,赵一锴,朱馨雨,刘贺雷,刘姣姣,陈稍,陈佳永,张阿凤 (2848)

基于改进麻雀搜索算法优化BP神经网络的土壤有机质空间分布预测胡志瑞,赵万伏,宋根先,王芳,林妍敏 (2859)

不同有机物料施用对菜地磷累积和转化的影响孙凯,崔玉涛,李顺晋,魏冰丽,王媛,杨宏博,王孝忠,张伟 (2871)

集约化柑橘种植抑制土壤磷循环微生物活性周连昊,曾全超,梅唐英泽,汪明霞,谭文峰 (2881)

控释掺混肥对麦玉米轮作体系作物产量和温室气体排放的影响高玮,王学霞,谢建治,陈延华,倪小会,王甲辰,董艳芳,李子双,曹兵 (2891)

生物炭对黄绵土中NO₃-N运移过程影响及模拟白一茹,刘旭,张钰涵,张睿媛,马艳,王幼奇 (2905)

中国农田土壤重金属污染分析与评价杨雳,白宗旭,薄文浩,林静,杨佩佳,陈涛 (2913)

城市土壤和地表灰尘重金属污染研究进展与展望王晓雨,刘恩峰,杨祥梦,王碧莲,林锦阔,颜梦霞,毕世杰 (2926)

场地重金属污染土壤固化及MICP技术研究进展陈玥如,高文艳,陈虹任,薛生国,吴川 (2939)

黄河流域山东段近河道煤矿区土壤重金属污染特征及源解析戴文婷,张晖,吴霞,钟鸣,段桂兰,董霖红,张培培,樊洪明 (2952)

拒马河流域河流沉积物与土壤重金属含量及风险评价韩双宝,袁磊,张秋霞,郑焰,李甫成 (2962)

银川市黄河滩区土壤重金属污染特征、生态风险评估及来源解析于路加,马海军,王翠平 (2971)

基于源导向和蒙特卡罗模型的广东省某城市土壤重金属健康风险评估陈莲,邹子航,张培珍,王雨茜,王振江,林森,唐翠明,罗国庆,钟建武,李智毅,王圆 (2983)

西南典型碳酸盐岩高地地质背景区农田重金属化学形态、影响因素及回归模型唐瑞玲,徐进力,刘彬,杜雪苗,顾雪,于林松,毕婧 (2995)

贵州省水田土壤-水稻Hg含量特征与安全种植区划韦美溜,周浪,黄燕玲,庞瑞,王佛鹏,宋波 (3005)

柠檬酸辅助甜高粱对南方典型母质土壤的镉修复效应刘梦宇,罗绪锋,辜娇峰,易轩韬,周航,曾鹏,廖柏寒 (3016)

改性酒糟生物炭对紫色土壤镉形态及水稻吸收镉的影响肖乃川,王子芳,杨文娜,谢永红,代文才,高明 (3027)

生物炭对四环素和铜复合污染土壤生菜生长及污染物累积的影响郑晨格,裴欢欢,张亚珊,李嘉欣,刘奋武,乔星星,秦俊梅 (3037)

基于Meta分析的蚯蚓堆肥对堆肥质量和重金属的影响效应姜继韶,侯睿,崔慧林,闫广轩,刘栋 (3047)

微塑料对土壤N₂O排放及氮素转化的影响研究进展刘一戈,杨安琪,陈舒欣,牛奕奕,卢瑛,李博 (3059)

土地利用对洱海罗时江小流域土壤微塑料污染的影响戴柳云,侯磊,王化,符立松,王艳霞,李晓琳,王万宾,梁启斌 (3069)

养殖海湾淤泥质海岸沉积物微塑料污染特征宋可心,贺金成,李昌文,解思琦,刘宝莹,黄伟,冯志华 (3078)

聚乙烯微塑料对盐渍化土壤微生物群落的影响王志超,李哲,李嘉辰,屈忠义,胡文煊,李卫平 (3088)

鄱阳湖候鸟栖息地微塑料表面细菌群落结构特征与生态风险预测俞锦丽,赵俊凯,罗思琦,景文慧,杨启武,刘淑丽 (3098)

粤闽浙沿海重点城市道路交通节能减排路径徐艺诺,翁大维,王硕,胡喜生,王占永,张园园,张兰怡 (3107)

电动重卡替代柴油重卡的全生命周期碳减排效益分析徐圆圆,龚德鸿,黄正光,杨浪 (3119)

水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响

梅渝^{1,2,3}, 黄平², 王鹏^{1,2,3}, 朱凯^{2*}

(1. 重庆交通大学河海学院, 重庆 400074; 2. 中国科学院重庆绿色智能技术研究院, 重庆 400714; 3. 中国科学院大学重庆学院, 重庆 400714)

摘要: 水库消落带是典型的生态脆弱敏感区. 水位波动是影响消落带土壤环境的主要因素, 植被恢复是消落带土壤保育的重要手段. 然而, 在水库消落带中, 水位波动和植被恢复对土壤微生物群落结构的交互影响尚不清楚. 为此, 选取三峡水库消落带中不同水位高程的撂荒草地和人工林地作为研究对象, 利用 16S rRNA 高通量测序技术探究土壤原核微生物群落组成和多样性, 并探讨驱动土壤原核微生物群落结构的主要环境因子. 结果表明, 消落带的低水位高程中土壤原核微生物 α 多样性最高, 其中 163 m 高程的 Pielou_e 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数显著高于 168 m 高程, Chao1 指数和 Shannon 指数显著高于 173 m 高程. 但撂荒草地和人工林地的土壤菌群 α 多样性并无显著差异. 同时, 水位波动和植被恢复均对土壤原核微生物的群落组成产生显著影响, 不同样地中生物标志物类别具有明显差异. 值得注意的是, 植被恢复模式差异对土壤原核微生物群落结构的影响强于水位波动. 此外, 层次分割结果显示土壤 pH 是三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构变化的主要驱动因子. 以上结果可深化对水库消落带土壤微生物群落结构的认识, 并为水库消落带生态系统的恢复重建提供科学参考.

关键词: 水库消落带; 水位波动; 植被恢复; 土壤原核微生物; 群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)05-2715-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202305147

Effects of Water Level Fluctuations and Vegetation Restoration on Soil Prokaryotic Microbial Community Structure in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir

MEI Yu^{1,2,3}, HUANG Ping², WANG Peng^{1,2,3}, ZHU Kai^{2*}

(1. School of River and Ocean Engineering, Chongqing Jiaotong University, Chongqing 400074, China; 2. Chongqing Institute of Green and Intelligence Technology, Chinese Academy of Sciences, Chongqing 400714, China; 3. Chongqing School, University of Chinese Academy of Sciences, Chongqing 400714, China)

Abstract: Riparian zones are typical fragile and sensitive ecological areas. Fluctuations in water level are the main factor affecting the soil environment in these zones, and vegetation restoration is considered an important means of soil conservation there. However, the interactive effects of water level fluctuations and vegetation restoration on the soil microbial community structure in the reservoir riparian zone remain unclear. Therefore, we selected abandoned grassland and artificial forestland at different water level elevations as research objects in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir. We used 16S rRNA high-throughput sequencing technology to explore the composition and diversity of soil prokaryotic microbial communities and investigated the main environmental factors driving the soil microbial community structure. The results showed that the α diversity of soil prokaryotes was the highest at the low water level of the riparian zone. The Pielou_e index, Shannon index, and Simpson index at the 163 m elevation were significantly higher than those at the 168 m elevation, and the Chao1 index and Shannon index were significantly higher than those at the 173 m elevation. However, no significant difference was found in the soil microbial community α diversity between abandoned grassland and artificial forestland. At the same time, water level fluctuations and vegetation restoration had significant effects on the community composition of soil prokaryotic microorganisms, and there were significant differences in biomarker categories in different study sites. Notably, the effects of vegetation restoration types on the soil prokaryotic microbial community structure were stronger than that of water level fluctuations. In addition, the results of hierarchical segmentation showed that soil pH was the main driving factor for the change in soil prokaryotic microbial community structure in the Three Gorges Reservoir. These results deepen our understanding of the variations in microbial community structure in the reservoir riparian zone and provide scientific reference for the restoration and reconstruction of the riparian zone ecosystem.

Key words: riparian zone; water level fluctuations; vegetation restoration; soil prokaryotic microbial; community structure

微生物是土壤生态系统中最活跃的组分, 它们的生长、活动以及与环境的作用在很大程度上驱动着全球能量流动和物质循环^[1]. 原核微生物作为土壤中最丰富和最多样化的类群, 参与了多种生态学过程, 包括腐殖质形成、有害物质降解和土壤有机碳矿化等^[2]. 土壤微生物对环境变化极为敏感, 微生物群落组成和多样性受到生物和非生物因素的调控, 如土壤养分、植被类型、气候条件和人为干扰等^[3]. 微生物群落结构的改变不仅是对环境变化的响应, 也是对生态系统功能和过程的预测^[4]. 土壤的高

度空间异质性为微生物群落组成和多样性提供了重要驱动力^[5], 了解不同环境下土壤原核微生物群落结构的改变对维持生态系统的环境功能和健康状态具有重要意义.

收稿日期: 2023-05-16; 修订日期: 2023-07-18

基金项目: 三峡库区后续规划科研项目 (500002021BF40001); 重庆市自然科学基金项目 (CSTB 2022 NSCQ-MSX 1111); 重庆市博士“直通车”科研项目 (s1202100000124); 重庆市博士后科学基金项目 (CSTB 2022 NSCQ-BHX0027)

作者简介: 梅渝 (1998~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤生态学, E-mail: meiyu21@mails.ucas.ac.cn

* 通信作者, E-mail: zhukai@cigit.ac.cn

消落带是水陆生态系统交错区域,具有保护生物多样性、拦截污染物和净化水体等多种生态环境保护功能^[6].水库消落带是由水位涨落在水库四周形成的暂时性干涸区域^[7],其土壤环境受水位波动强烈影响,属于典型的生态脆弱敏感区^[8].水库消落带长期遭受淹水-落干循环影响,其原有生境破坏严重并导致土壤质量下降^[9].植被恢复是退化生态系统土壤修复的重要手段,植被自然恢复和选育耐淹植被的人工种植是水库消落带典型的植被恢复模式^[10].一方面,周期性水位波动导致的干湿交替过程会抑制土壤微生物的生长和活性进而影响菌群的动态变化^[11].另一方面,植被恢复能够增加水库消落带植物多样性和根系分泌物,并且淹水后植被凋落物与残体腐烂,又可能促进土壤微生物的生长和活性^[12].两种机制都可能影响消落带土壤微生物群落的活性与分布.然而,水库水位波动和植被恢复对土壤微生物群落组成和多样性的交互影响尚不清楚.

三峡水库自2010年以来每年循环冬蓄夏排,在水库形成了一个总面积约348.9 km²、垂直高度达30 m的消落带^[13].三峡水库消落带由于水位落差大、水淹时间长、反季节水位波动频繁,导致其原有植被大规模退化^[14].近年来,科研人员对该区域开展了大量有关植被生态恢复方面的研究,并取得一系列重要成果.叶琛等^[15]探讨了三峡水库消落带植物多样性变化规律及其驱动因子;Gong等^[16]阐明了水位波动和植被恢复对温室气体通量和反硝化速率的影响;Zhu等^[10]则聚焦于土壤团聚体,研究强调在不同水位高程下应采取不同土地管理措施以增强消落带土壤团聚体稳定性.然而,水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响尚待深入研究.了解土壤微生物群落结构在不同水位高程和植被恢复模式下的变化情况,有助于进一步认识土壤微生物群落在消落带的空间分布格局和驱动机制.因此,本文选取三峡水库消落带中不同水位高程和植被恢复模式的消落带土壤为研究

对象,利用16S rRNA高通量测序技术探究土壤原核微生物群落组成和多样性,定量刻画水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构影响的相对贡献,并结合土壤理化性质分析微生物群落结构变化的驱动因子,深化对三峡水库消落带土壤微生物群落结构与多样性的认识,以期为该区域的生态修复治理提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于长江支流澎溪河流域的乌杨湾和大浪坝消落带(图1).澎溪河作为三峡水库主要支流之一,在水位波动影响下,形成的消落带面积约为55.47 km²,其中乌杨湾和大浪坝消落带均位于重庆开州段^[17].两地气候条件、土壤类型和质地相同(表1),年平均气温18.5℃,年平均降水量1200 mm,年总降雨量的60%以上集中于4~9月的植物生长期^[18].

乌杨湾消落带处于自然演替初期,消落带区域主要以自然恢复的狗牙根(*Cynodon dactylon*)、雀稗(*Paspalum thunbergii*)和苍耳(*Xanthium sibiricum*)等草本植物为主^[19].大浪坝消落带是人工种植耐淹植被生态恢复试验区,在165~175 m海拔区域内种有落羽杉(*Taxodium distichum*)、水松(*Glyptostrobus pensilis*)和桑树(*Morus alba*)等耐水淹乔木,以实现护岸固岸和生态缓冲功能^[20].在三峡大坝运行之前,乌杨湾和大浪坝消落带均为农田生境^[10,21].本研究中,撂荒草地和人工林地皆由玉米地转化而来.

1.2 采样方法

2021年7月,根据三峡水库消落带不同水位高程和植被恢复模式在研究区共选择5块样地,分别是乌杨湾消落带中163、168和173 m高程的撂荒草地,以及大浪坝消落带中168 m和173 m高程的人工林地.每块样地布设6个重复样带,在清理地表凋落物后,分别采集0~20 cm深度土壤.从采集土样中取

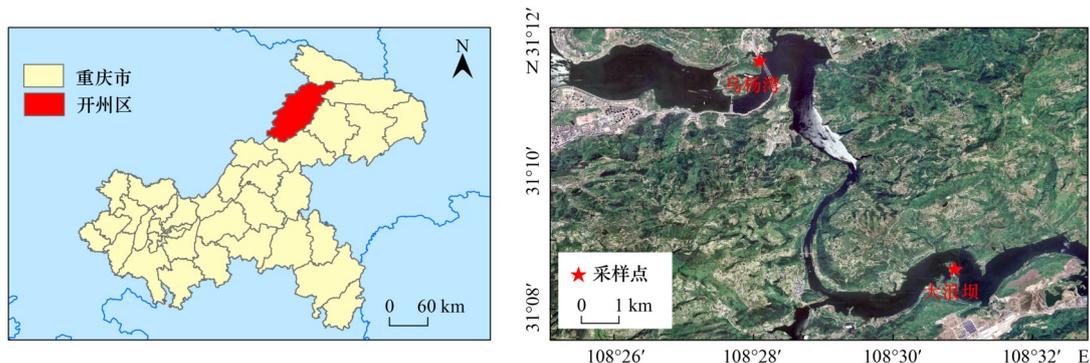


图1 研究区地理位置示意

Fig. 1 Geographical location of the study area

表 1 研究区概况
Table 1 Study area profile

样地名称	地理坐标	气候类型	土壤类型	土壤质地	海拔高程/m
乌杨湾	31°11'30"N, 108°28'00"E	亚热带湿润季风气候	紫色土	粉砂壤土	160~175
大浪坝	31°08'30"N, 108°30'50"E	亚热带湿润季风气候	紫色土	粉砂壤土	165~175

适量装入离心管内, 置于-80℃冰箱保存, 并在短时间内进行微生物DNA提取和高通量测序. 其余土样带回实验室, 经自然风干后用于土壤理化性质测定.

1.3 测定方法

1.3.1 土壤理化性质测定

土壤酸碱度(pH)以土水比 1:2.5 采用电位法测定; 土壤有机质(SOM)采用重铬酸钾容量法测定; 全磷(TP)、全钾(TK)和速效钾(AK)采用电感耦合等离子体发射光谱法测定; 有效磷(AP)采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定; 碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定; 土壤含水量(SWC)采用土壤水分测定仪(TDR150, USA)测定; 土壤容重(SBD)、土壤饱和持水量(SMC)和土壤总孔隙度(STP)采用环刀法测定^[22]

1.3.2 土壤DNA提取及16S rRNA测序

采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)方法^[23]对样品基因组DNA进行提取, 使用琼脂糖凝胶电泳检测提取出的DNA纯度和浓度, 随后取适量DNA于离心管中, 并用无菌水稀释至 $1 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$. 以稀释后的基因组DNA为模板, 根据扩增区域选择使用带barcode的特异性引物515F(GTGCCAGCMGCCGCGGTAA)和806R(GGACTACHVGGGTWTCTAAT)对菌株V4可变区进行PCR扩增. PCR产物经混样和纯化后, 使用NovaSeq 6000进行上机测序. 此过程由北京诺禾致源科技股份有限公司完成.

1.4 数据处理

原始测序数据经拼接、质控和嵌合体去除后, 使用QIIME2软件中的DADA2模块进行降噪和过滤处理, 得到最终ASVs和特征表. 利用classify-sklearn模块将得到的ASVs与数据库比对以获得每个ASV的物种信息. 采用QIIME2软件计算样品群落丰度指数(Chao1指数)、群落均匀度指数(Pielou_e指数)、群落多样性指数(Shannon指数和Simpson指数).

在进行统计分析前, 对所有变量进行正态性、方差齐性和多重共线性检验, 对不符合正态分布和方差齐性的数据进行对数转换. 运用SPSS 20.0 (SPSS Inc., Chicago, USA)进行单因素方差分析(ANOVA)和独立样本Wilcoxon秩和检验以比较不同样地的土壤理化因子和菌群多样性指数差异, 并通过Spearman分析土壤微生物群落结构与土壤理化性

质的相关性. 使用R语言(version 4.2.2)中vegan包实现基于Bray-Curtis距离矩阵的主坐标分析(PCoA), 并计算水位波动和植被恢复对土壤原核微生物群落结构影响的相对贡献; rdacca.hp包计算各土壤理化性质对原核微生物群落结构的单独效应; ggplot2包完成绘图. 在BIC平台通过LEfSe分析获得不同水位高程和植被恢复模式下的生物标志物, 其LDA值设为3.8.

2 结果与分析

2.1 消落带土壤基本理化性质

研究样地的土壤理化性质如表2所示, 水位波动和植被恢复均对消落带土壤理化性质产生显著影响. 在撂荒草地中, 土壤pH在163 m高程达到8.32, 呈弱碱性, 随着水位梯度上升, 土壤pH逐渐趋于中性; 173 m高程中SOM、TP、AP和AN含量显著高于163 m和168 m高程; TK含量和SMC在168 m高程表现最低; SWC随着水位梯度下降逐渐降低, 163 m高程的SWC显著低于168 m和173 m高程. 在人工林地中, 173 m高程的TP、TK、AK和AN含量显著高于168 m高程; 土壤pH、SOM、AP、SBD、SWC、SMC和STP均无显著差异. 在相同高程下, 撂荒草地的土壤pH和AN含量显著高于人工林地; SWC、SMC和STP相近; 其余理化性质未表现出明显规律.

2.2 土壤原核微生物群落多样性

土壤原核微生物 α 多样性指数分析表明(图2), 在同一高程下, 撂荒草地和人工林地的Chao1指数、Pielou_e指数、Shannon指数和Simpson指数均无显著差异. 并且两种植被恢复模式下168 m高程与173 m高程的土壤菌群 α 多样性大致相同. 但随着水位梯度持续降低, 撂荒草地中163 m高程的Pielou_e指数、Shannon指数和Simpson指数显著高于168 m高程, Chao1指数和Shannon指数显著高于173 m高程.

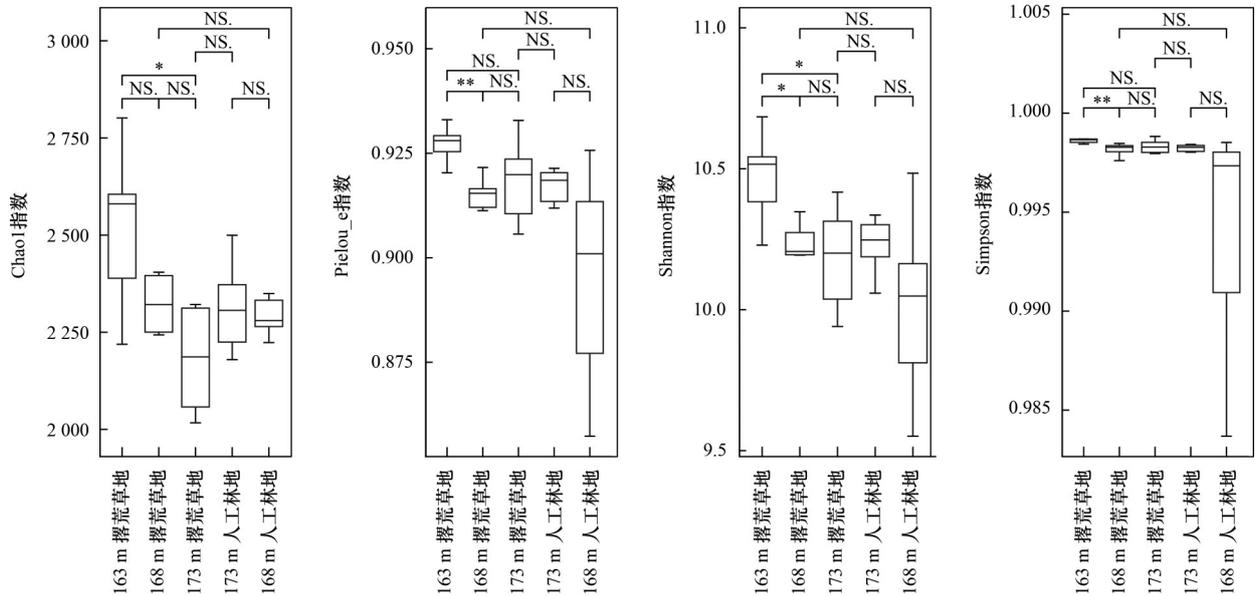
基于Bray-Curtis距离矩阵, 对所有土样进行主坐标分析(PCoA)(图3), 并结合ADONIS和ANOSIM分析方法对组间差异进行显著性检验(表3). 土壤原核微生物群落在人工林地的168 m和173 m高程发生部分重叠, ADONIS和ANOSIM分析结果表明土壤菌群在两高程间存在部分相似物种, 但仍具有显著差异. 并且, 土壤原核微生物群落在撂荒草地的不同

表 2 研究样地的土壤理化性质¹⁾

Table 2 Soil physicochemical properties of the study sites

项目	163 m 撂荒草地	168 m 撂荒草地	173 m 撂荒草地	168 m 人工林地	173 m 人工林地
pH	8.32±0.15a	7.18±0.31b	7.10±0.45b	6.08±0.31c	6.40±0.25c
$\omega(\text{SOM})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	19.48±5.28b	17.65±3.21bc	26.61±4.33a	11.76±5.31c	18.35±8.30bc
$\omega(\text{TP})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.75±0.08b	0.40±0.05c	0.83±0.06a	0.44±0.05c	0.71±0.06b
$\omega(\text{TK})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	18.84±0.82b	16.71±0.70c	17.94±0.62b	15.25±0.60d	21.20±1.01a
$\omega(\text{AP})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	9.98±3.00b	6.66±0.75b	36.76±16.09a	7.59±1.88b	8.58±3.04b
$\omega(\text{AK})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	45.00±5.48b	44.5±5.92b	61.50±9.29b	60.00±15.23b	84.33±36.03a
$\omega(\text{AN})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	69.30±18.18c	97.86±15.03b	126.09±13.71a	61.60±20.55c	94.97±29.26b
SBD/ $\text{kg}\cdot\text{m}^{-3}$	1.31±0.18bc	1.42±0.11ab	1.14±0.04c	1.52±0.11a	1.37±0.20ab
SWC/%	23.68±3.37b	32.21±4.58a	34.54±8.18a	28.26±6.06ab	34.19±2.79a
SMC/%	37.52±10.69ab	32.38±4.83b	45.62±2.53a	27.37±9.84b	36.74±14.03ab
STP/%	47.60±6.72ab	45.52±3.59ab	52.04±1.18a	40.71±11.83b	48.56±13.24ab

1) 数据为平均值±标准差,同一行中不同小写字母表示不同样地之间差异显著($P<0.05$);pH:酸碱度,SOM:土壤有机质,TP:全磷,TK:全钾,AP:有效磷,AK:速效钾,AN:碱解氮,SBD:土壤容重,SWC:土壤含水量,SMC:土壤饱和持水量,STP:土壤总孔隙度



*表示 $P<0.05$, **表示 $P<0.01$, NS. 表示没有显著差异

图 2 不同样地的土壤原核微生物 α 多样性指数Fig. 2 The α diversity index of soil prokaryotic microorganisms in different sample sites

水位高程间分布差异较大,土壤菌群在 163 m 高程主要分布于 PC2 负轴;在 168 m 高程主要分布于 PC2 正轴;而在 173 m 高程则主要分布于 PC2 中轴.经 ADONIS 和 ANOSIM 检验再次表明土壤原核微生物群落不同水位波动影响下存在显著差异.此外,土壤原核微生物群落在人工林地中均分布于 PC1 左轴,而在撂荒草地中均分布于 PC1 右轴. ADONIS 和

ANOSIM 分析结果表明,撂荒草地和人工林地的土壤原核微生物群落组间差异显著大于组内差异.

2.3 土壤原核微生物群落组成

16S rRNA 高通量测序结果表明,在 5 块样地 30 个样品中共获 22 286 个有效序列,由 56 门 156 纲 351 目 529 科 909 属组成.所有土样的原核微生物群落组成及相对丰度见图 4.在门水平上,相对丰度排名前 10 的

表 3 土壤原核微生物群落不相似性检验

Table 3 Dissimilarity test of soil prokaryotic microorganism communities

对比样地	ADONIS		ANOSIM	
	R^2	P	R	P
168 m 人工林地 × 173 m 人工林地	0.190	0.002	0.420	0.002
163 m 撂荒草地 × 168 m 撂荒草地 × 173 m 撂荒草地	0.366	0.001	0.879	0.001
168 m 撂荒草地 × 168 m 人工林地	0.341	0.002	0.965	0.002
173 m 撂荒草地 × 173 m 人工林地	0.366	0.002	0.996	0.002

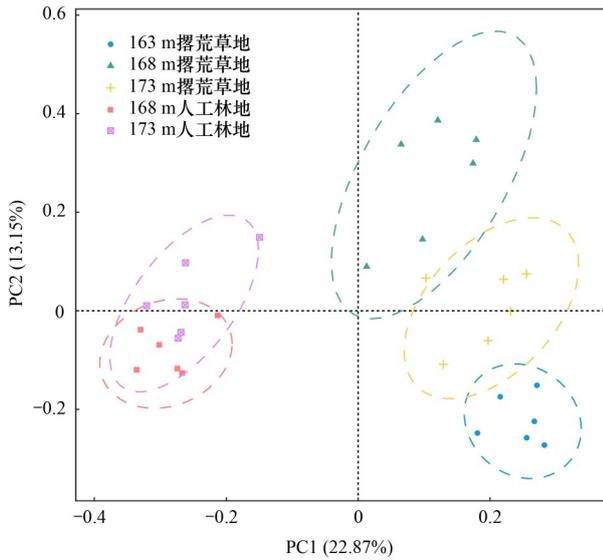


图3 基于 Bray-Curtis 距离矩阵的土壤原核微生物群落的主坐标分析(PCoA)

Fig. 3 Principal coordinate analysis (PCoA) of soil prokaryotic microorganism communities based on Bray-Curtis distance matrix

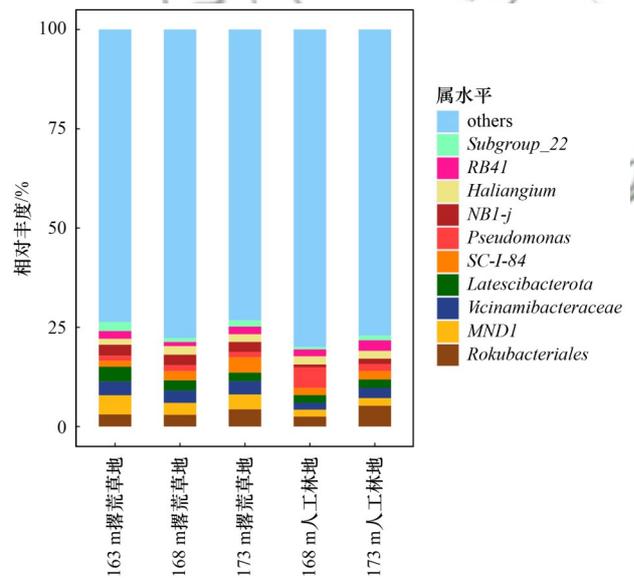
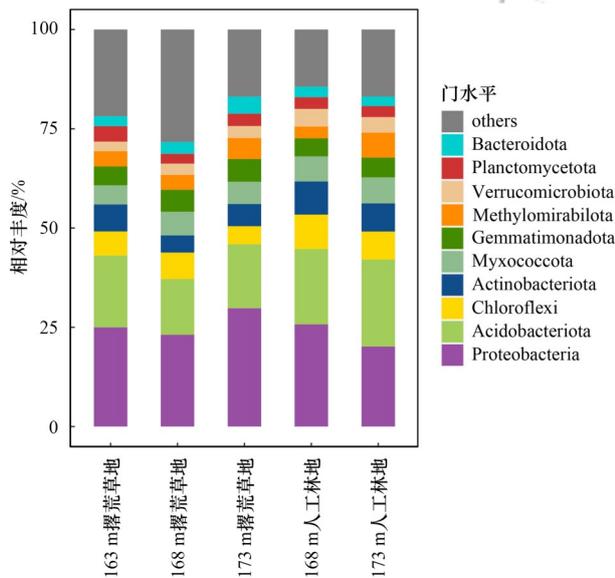


图4 土壤原核微生物在门水平和属水平上的优势物种相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of dominant species of soil prokaryotic microorganisms at the phylum and genus levels

通过对不同水位高程的土壤微生物群落做 LEfSe 分析可明确消落带土壤在不同水位波动影响下的生物标志物，LDA 值分布柱状图见图 5。结果表明，在撿荒草地中，163 m 高程的生物标志物主要为 *Latescibacterota* 属、*Subgroup_22* 属、Nitrosomonadaceae 科和 Gaiellales 纲；168 m 高程的生物标志物主要为 *MBNT15* 属、Oscillospirales 目、Anaerolineae 纲、Thermodesulfobivirionia 纲和 Desulfobacterota 门；173 m 高程的生物标志物主要为 *SC-I-84* 属、Rhizobiales 目和 Proteobacteria 门。而在人工林地中，168 m 高程的生物标志物主要有

优势菌门分别是变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteriota)、粘菌门(Myxococcota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、Methyloirabilota、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、浮霉菌门(Planctomycetota)和拟杆菌门(Bacteroidota)。其中变形菌门的相对丰度最高，占总菌门的 24.75%，其次是酸杆菌门，占总菌门的 17.84%，二者属于所有菌门的主要优势类群，其余菌门相对丰度均低于 10%。在属水平上，*Rokubacteriales* 相对丰度占总菌属的 3.62%，为第一优势菌属。在撿荒草地和人工林地中，该菌属在 173 m 高程处的相对丰度最高。第二优势菌属为 *MND1*，占总菌属 3.04%，相对丰度最高区位于撿荒草地的 163 m 高程。其余菌属的相对丰度均低于 3%，分别是 *Vicinamibacteraceae* (2.85%)、*Latescibacterota* (2.50%)、*SC-I-84* (2.33%)、*Pseudomonas* (2.19%)、*NBI-j* (2.01%)、*Haliangium* (1.93%)、*RB41* (1.85%) 和 *Subgroup_22* (1.34%)。

Actinobacteria 纲、Gammaproteobacteria 纲和 Chloroflexi 门；173 m 高程的生物标志物主要有 *Rokubacteriales* 属和 Blastocatellia 纲。

为获得不同植被恢复模式下组间丰度具有显著差异的微生物群落，分别在 168 m 和 173 m 高程选取撿荒草地和人工林地做 LEfSe 分析，LDA 值分布柱状图见图 6。在 168 m 高程下，撿荒草地的 *Sva0485* 属、*Vicinamibacteraceae* 属、*NBI-j* 属、*MBNT15* 属、Thermodesulfobivirionia 纲、Clostridia 纲、Desulfobacterota 门和 Firmicutes 门显著富集；人工林地的 Acidobacteriales 目、Ktedonobacterales 目、

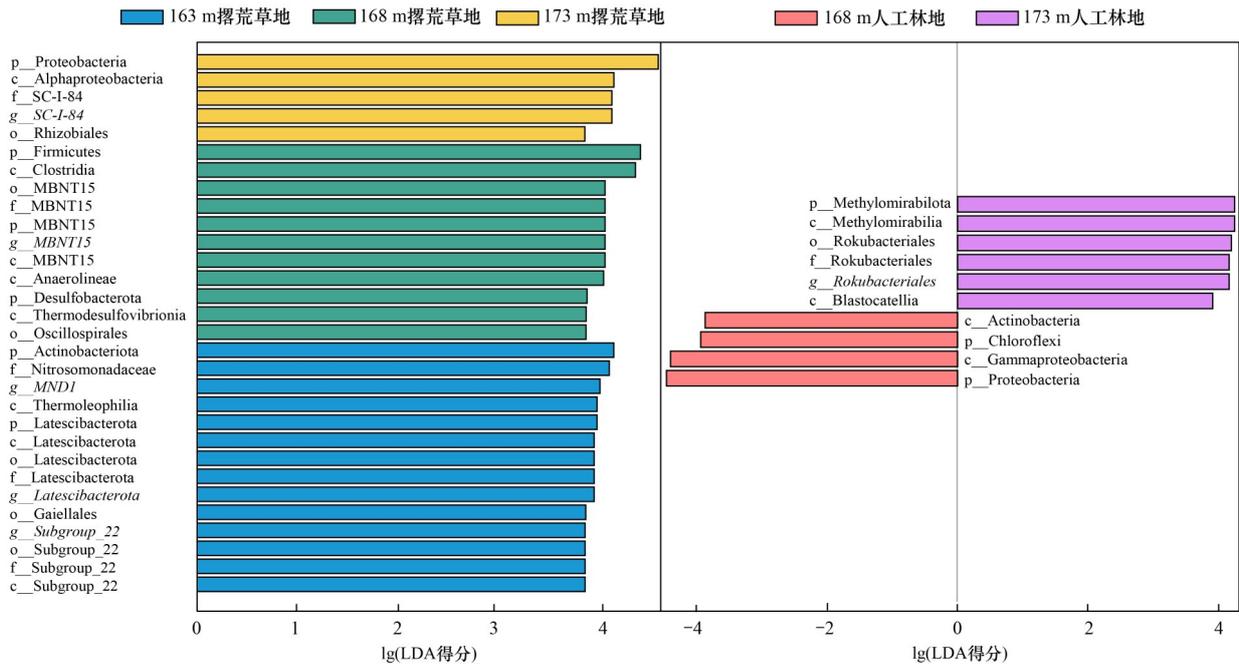


图5 不同水位高程下土壤原核微生物 LDA 值分布柱状图

Fig. 5 Bar chart of LDA value distribution of soil prokaryotic microorganisms under different water level elevations

Actinobacteria 纲和 Thermoleophilia 纲显著富集。在 173 m 高程下, 撿荒草地的显著富集菌群有 *SC-I-84* 属、*MND1* 属、Bacteroidia 纲和 Alphaproteobacteria

纲; 人工林地的显著富集菌群有 *Subgroup_7* 属、Acidobacteriales 目、Holophagae 纲、Chloroflexi 门和 Actinobacteriota 门。

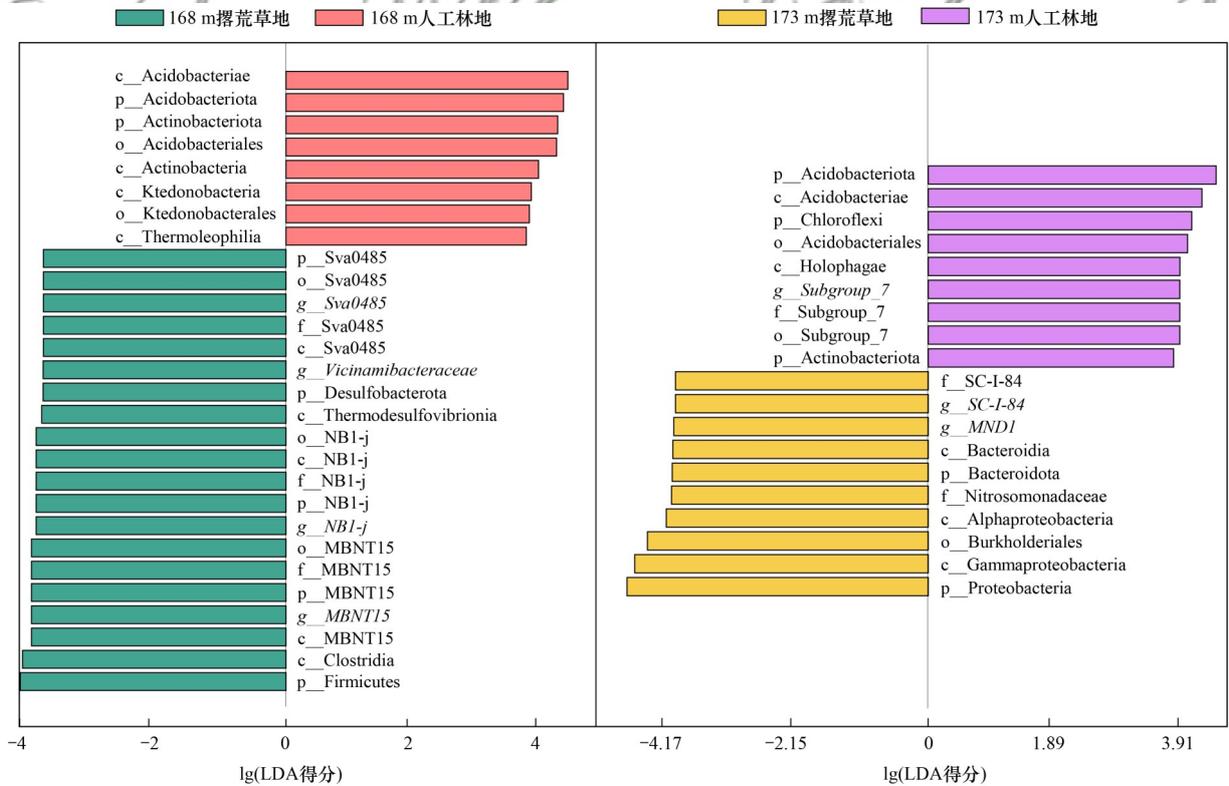


图6 不同植被恢复模式下土壤原核微生物 LDA 值分布柱状图

Fig. 6 Bar chart of LDA value distribution of soil prokaryotic microorganisms under different vegetation restoration modes

2.4 水位波动和植被恢复对土壤原核微生物群落结构变化的相对贡献

采用方差分解分析(VPA)解释水位波动和植被

恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构变化的相对贡献(图7), 结果表明水位波动的解释量小于植被恢复, 二者解释率分别为9.65%和13.13%,

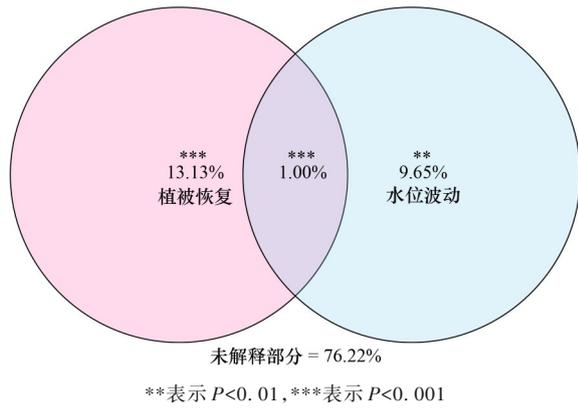
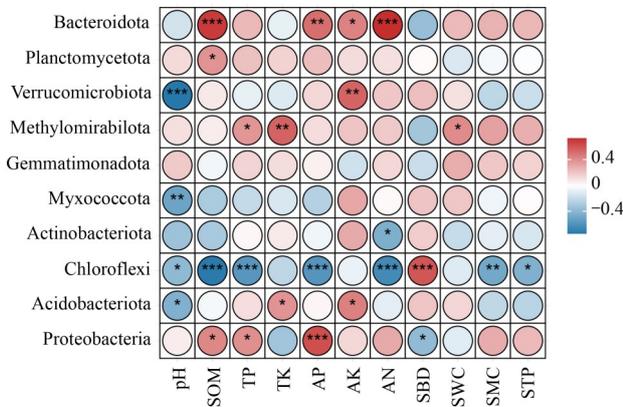


图 7 水位波动和植被恢复解释土壤原核微生物群落结构变化的相对贡献

Fig. 7 Relative contributions of water level fluctuations and vegetation restoration in explaining changes in soil prokaryotic microbial community structure



颜色深浅表示相关性大小,红色表示正相关,蓝色表示负相关; *表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$, ***表示 $P < 0.001$, 未标注为没有显著差异

图 8 土壤原核微生物优势物种相对丰度与土壤理化性质 Spearman 相关性分析

Fig. 8 Spearman correlation analysis between the relative abundance of soil bacterial dominant species and soil physicochemical properties

与各个土壤理化性质均无显著相关性; Pielou_e 指数与土壤 pH、SOM、TP、TK 和 SMC 显著正相关, 与 SBD 显著负相关; Shannon 指数与土壤 pH 显著正相关; Simpson 指数与土壤 pH 和 SOM 显著正相关。以上结果表明, 土壤 pH 和 SOM 是原核微生物群落内物种多样性发生改变的重要环境因子。

利用层次分割法进一步分析土壤理化性质对原核微生物群落结构的影响(图 9)。土壤理化性质对微生物群落结构变化的单独影响效应从大到小分别是 pH (8.04%)、AN (3.10%)、AK (3.06%)、TP (2.97%)、SOM (2.92%)、SWC (2.03%)、TK (1.29%)、AP (0.94%)、SBD (0.77%)、SMC (0.26%) 和 STP (0.17%)。土壤 pH、AN、AK、TP 和 SOM 等化学性质的影响效应强于 SWC、SBD、SMC 和 STP 等物理性质, 成为土壤理化性质中改变原核微生物群落结构的主导因素, 其中土壤 pH 更是关键驱动因子。

共同解释率为 1.00%, 均对土壤原核微生物群落结构变化具有显著影响。

2.5 土壤理化性质对原核微生物群落结构的影响

选取所有土样中平均相对丰度排名前 10 的优势菌门和优势菌属同土壤理化性质做 Spearman 相关性分析(图 8)。在优势菌门中, 绿弯菌门与各土壤理化性质的相关性最强。绿弯菌门与土壤 pH、SOM、TP、AP、AN、SMC 和 STP 均呈显著负相关, 但与 SBD 呈极显著正相关。在优势菌属中, *SC-I-84* 与各土壤理化性质的相关性最强, 其次是 *MND1* 和 *Subgroup_22*。这 3 类菌属均与 SOM 呈显著正相关, 与 SBD 呈显著负相关。

土壤原核微生物 α 多样性指数与土壤理化性质的 Spearman 相关性分析表明(表 4), 菌群 Chao1 指数

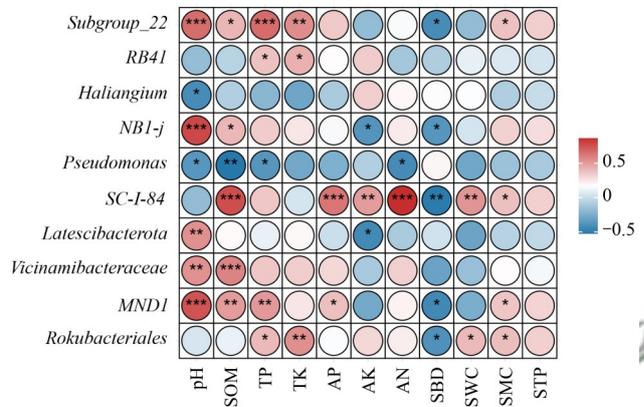


表 4 土壤原核微生物 α 多样性指数与土壤理化性质的相关分析¹⁾

Table 4 Correlation coefficients between soil bacterial α diversity indices and soil physicochemical properties

项目	Chao1 指数	Pielou_e 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
pH	0.271	0.497**	0.499**	0.559**
SOM	-0.061	0.485**	0.340	0.413*
TP	-0.079	0.434*	0.260	0.336
TK	0.055	0.409*	0.342	0.337
AP	-0.196	0.308	0.104	0.154
AK	-0.306	-0.080	-0.216	-0.195
AN	-0.225	0.210	0.101	0.119
SBD	-0.078	-0.381*	0.285	-0.275
SWC	-0.296	-0.096	-0.127	-0.098
SMC	0.115	0.366*	0.289	0.269
STP	0.138	0.351	0.293	0.259

1) *表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$, 未标注为没有显著差异

3 讨论

3.1 水位波动对土壤理化性质和原核微生物群落结构的影响

在三峡水库消落带中, 水位波动是土壤理化性

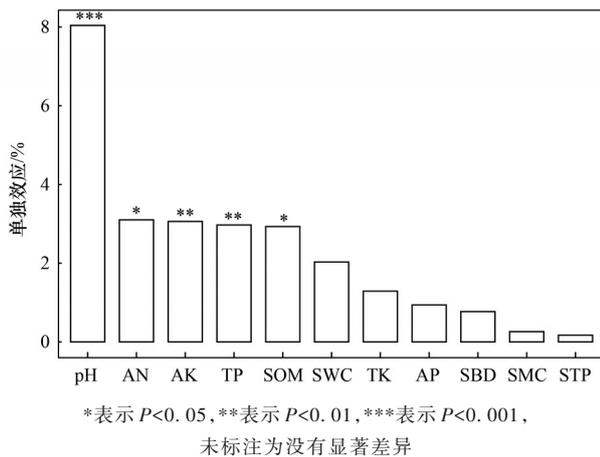


图9 土壤理化性质对原核微生物群落结构的单独影响效应

Fig. 9 Individual effect of soil physicochemical properties on prokaryotic microbial community structure

质的重要驱动因子. 消落带土壤在 168 m 和 173 m 高程呈弱酸性或中性, 而在 163 m 高程呈弱碱性, 这可能归因于不同水位高程受到的水淹强度不同. 消落带低水位区域由于长期遭受水淹胁迫, 导致其流水侵蚀严重和岩石风化剧烈^[24]. 在岩石风化过程的钙淀积阶段中, 部分钙离子游离出来形成碳酸钙, 使得钙积风化壳形成, 导致土壤呈现弱碱性^[25]. 此外, 消落带土壤在长期淹水过程中会吸附水体中的碱性金属, 也可导致土壤 pH 偏高^[26]. 高艺伦等^[27]在澎溪河流域同样发现消落带低水位区域的土壤 pH 较高, 这与张志永等^[28]在三峡水库消落带万州段和郭燕等^[29]在秭归段的相关研究中得出的结论相同. SOM、TP、TK 和 AN 在 173 m 高程中含量最高, 这可能是因为 173 m 高程的淹水时间短、淹水频率低, 导致土壤侵蚀程度远小于低水位高程, 减缓了土壤养分的释放、运动和扩散过程^[30]. 并且相关研究表明, 植物生长状况也受水位波动强烈影响, 消落带高水位区域中植被受水淹胁迫强度低, 物种多样性较高, 凋落物和根系分泌物较为丰富, 可使土壤养分更加充足^[15]. 然而, 这与前人关于消落带土壤养分含量在 165 m 高程最高的研究结论有所不同^[31]. 差异原因可能源于水位梯度的变化综合了水淹强度、雨水冲刷、地表径流和植被覆盖等多个环境因子, 从而导致土壤养分含量在不同研究区域之间存在较大空间异质性. SWC 随水位梯度下降而降低, 这与杨文航等^[32]研究结论相反. SWC 在 163 m 高程中最低, 这可能与植物根系的保湿作用有关^[33], 消落带低水位区域中植被生物量较少且根系浅, 从而导致水土保持能力较差.

水文条件在确定湿地生态系统的微生物群落结构方面发挥着关键作用^[34]. 本研究中, 消落带土壤原核微生物群落不同水位高程下均以变形菌门和

酸杆菌门为优势类群. 变形菌门和酸杆菌门是土壤中两种常见的细菌门类, 二者因自身的强大代谢能力和广泛适应性能够在消落带这一生态敏感区保持良好竞争优势并维持较高相对丰度, 这与谭雪等^[35]的研究结论一致. 土壤原核微生物群落结构在不同水位高程之间呈现出高度空间复杂性, 这可能源于水位波动造成消落带水土流失、植被恢复和土壤侵蚀等生态学过程发生改变, 进而对土壤微生物群落结构产生显著影响^[36]. 并且消落带作为水陆交错带, 具有独特的时空特征和边缘效应, 土壤微环境和生物多样性差异较大^[37]. 由于长时间和高频率的水淹胁迫, 消落带低水位高程中物质和能量交换频繁, 土壤厌氧菌和好氧菌可同时存在, 因此菌群多样性较高. 相反, 高水位高程更靠近陆地, 受水位波动影响较小, 土壤长期保持有氧环境, 导致厌氧菌的数量和种类减少, 从而使土壤微生物多样性降低^[38]. 在 Yang 等^[39]研究中不同水位波动区域之间土壤菌群多样性并无显著差异, 但对水位波动区与未淹水区进行比较后的结果表明, 淹水过程有利于土壤菌群多样性的增加.

3.2 植被恢复对土壤理化性质和原核微生物群落结构的影响

不同植被恢复模式下, 土壤理化性质主要受到植被根系、地上生物量、凋落物残体以及植被生长特征等多因素影响^[40,41]. 人工林地的土壤 pH 低于撂荒草地, 呈弱酸性, 这可能是因为落羽杉、水松和桑树等乔木的根系粗壮且植被覆盖度较大, 植物根系在生长过程会分泌有机酸以改善土壤根际环境^[42], 同时凋落物在分解过程中也将产生大量酸性物质并加速土壤酸化过程^[43]. 此外, 乔木枯枝相较于草本植物残体具有较低的养分归还速率和归还量, 可使人工林地中土壤表层腐殖质厚度减少. 而腐殖质作为氮素的关键供应源, 可进一步导致人工林地的 AN 含量低于撂荒草地^[44].

本研究中, 撂荒草地和人工林地的土壤菌群 α 多样性指数大致相同, 李彦杰等^[45]研究同样表明在三峡水库消落带的不同植被恢复模式下土壤菌群丰富度和均匀度均无显著差异. 这可能是由于土壤菌群多样性极为丰富^[46], 土壤理化性质、植被类型和植物群落变化等多个环境因子共同驱动着土壤菌群多样性改变^[47], 从而导致土壤菌群 α 多样性在两种植被恢复模式下没有明显变化. 但撂荒草地和人工林地中土壤微生物群落组成和生物标志物存在显著差异, 部分原因可能来自于两种植被恢复模式下所采取的不同管理措施. 人工林地中存在土壤改良和水分管理等人为干预以提高土壤肥力和水分保持能

力, 这将使部分与养分循环和水分利用相关的土壤菌群相对丰度增加. 而撂荒草地中排除了以上人类活动的干扰, 土壤环境更加稳定, 使土壤菌群结构稳定性增加. 并且不同植被类型也将导致土壤菌群结构发生改变, 草本与乔木植物的根系分布格局和根系分泌物等差异将造成根际土壤微环境不同^[48]. 狗牙根、雀稗和苍耳等草本植物根系密而浅, 更易吸收地表水和凋落物分解物, 土壤微环境更利于喜好潮湿和富含有机物的微生物存活^[49]. 而落羽杉、水松和桑树等乔木具有深根系, 能在深层土壤中获取水分和养分, 这将利于偏好生长在深层土壤中的微生物群落^[50].

方差分解分析(VPA)表明, 植被恢复对消落带土壤原核微生物群落结构的影响强于水位波动. 植被恢复能够在一定程度上抵消水位波动等因素对消落带生态系统的影响, 有利于整个生态系统的可持续发展. 在水库调度影响下选择合适的植被恢复模式对维护消落带土壤微生物群落多样性与稳定性至关重要.

3.3 土壤理化性质对原核微生物群落结构的影响

相关分析表明, 土壤 pH、SOM、TP、TK、AP、AK、AN、SBD、SWC、SMC 和 STP 均显著影响微生物群落组成. 绿弯菌门与各土壤理化性质的相关性最强, 这可能与它形态多样、营养方式和代谢途径十分丰富有关^[51]. *SC-I-84*、*MND1* 和 *Subgroup_22* 是属水平上与各土壤理化性质最显著相关的菌群. 这 3 类菌属皆可通过自身强大代谢能力, 在碳、氮和磷等养分循环过程中发挥关键作用^[52]. 同时, 土壤理化性质强烈影响着原核微生物群落多样性. 王露莹等^[53]在松花江下游滨岸带发现土壤 pH 和 SOM 是影响不同植被根际土壤细菌多样性的关键环境因子, 与本研究结果一致. 土壤 pH 和 SOM 通过调节微生物的适宜生存条件和营养资源, 对微生物群落多样性产生重要影响^[54]. 并且之前研究得出, 在一定范围内, 土壤菌群多样性与土壤 pH 呈显著正相关^[55], 本研究结果与此相符. 本研究中, 土壤菌群 α 多样性峰值发生在呈弱碱性的低水位区, 这与 Wang 等^[38]在漓江河岸带的研究结果类似.

本研究采用层次分割法表明, 土壤 pH 是消落带土壤原核微生物群落结构改变的关键驱动因子. 土壤中适宜的酸碱环境可为微生物生长和繁殖提供良好条件^[56]. 然而微生物种类多样, 不同微生物在生长过程中所需的最佳 pH 值和适宜范围有所区别^[57]. 土壤 pH 不仅可以改变微生物群落之间的相互关系及其调控机制^[58], 而且还可通过干扰土壤酶活性等方式改变土壤养分有效性和分布特征, 从而间

接影响微生物群落组成和多样性^[59]. 并且, 在其他地区也有类似结论. 例如, 姚兰等^[60]发现土壤 pH 是决定黄山不同海拔土壤细菌群落结构的主要环境因子; 夏开等^[61]在皖南山区也发现土壤 pH 是影响当地不同林型土壤细菌群落结构及多样性的主要因素. 此外, 层次分割分析表明土壤 pH、AN、AK、TP 和 SOM 等化学性质对微生物群落结构的影响效应强于 SWC、SBD、SMC 和 STP 等物理性质. AN、AK、TP 和 SOM 作为微生物新陈代谢的重要营养物, 不仅直接参与微生物生长和繁殖过程, 而且还可以通过影响土壤酶活性和矿化速率进而改变土壤微生物群落结构^[62]. 相比于土壤养分因子, SWC、SBD、SMC 和 STP 等物理性质并非是微生物生长代谢过程中的直接参与物, 它们则更多通过改变土壤温度和通气状况等方式间接影响土壤微生物群落组成和多样性^[63].

4 结论

(1) 三峡水库消落带不同水位高程的土壤原核微生物群落结构呈现出高度空间复杂性. 其中, 低水位高程由于受更高强度水位波动的影响, 土壤原核微生物 α 多样性高于高水位高程.

(2) 三峡水库消落带中, 植被自然恢复和人工恢复的土壤原核微生物群落组成存在显著差异, 但二者 α 多样性无明显变化. 植被恢复对消落带土壤原核微生物群落结构的影响强于水位波动.

(3) 土壤 pH 是三峡水库消落带中土壤原核微生物群落结构变化的主导驱动因子.

参考文献:

- [1] Crowther T W, van den Hoogen J, Wan J, *et al.* The global soil community and its influence on biogeochemistry [J]. *Science*, 2019, **365**(6455), doi: 10.1126/science.aav0550.
- [2] Liu L Y, Li C Z, Zhu S H, *et al.* Combined application of organic and inorganic nitrogen fertilizers affects soil prokaryotic communities compositions [J]. *Agronomy*, 2020, **10**(1), doi: 10.3390/agronomy10010132.
- [3] Bi B Y, Wang K, Zhang H, *et al.* Plants use rhizosphere metabolites to regulate soil microbial diversity [J]. *Land Degradation & Development*, 2021, **32**(18): 5267-5280.
- [4] Fuhrman J A. Microbial community structure and its functional implications [J]. *Nature*, 2009, **459**(7244): 193-199.
- [5] Sikorski J. The prokaryotic biology of soil [J]. *Soil Organisms*, 2015, **87**(1): 1-28.
- [6] Han Q, Wang X G, Li Y, *et al.* River ecological corridor: a conceptual framework and review of the spatial management scope [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2022, **19**(13), doi: 10.3390/ijerph19137752.
- [7] Keller P S, Marcé R, Obrador B, *et al.* Global carbon budget of reservoirs is overturned by the quantification of drawdown areas [J]. *Nature Geoscience*, 2021, **14**(6): 402-408.
- [8] Zhu K, Li W J, Yang S, *et al.* Intense wet-dry cycles weakened the

- carbon sequestration of soil aggregates in the riparian zone [J]. CATENA, 2022, **212**, doi: 10.1016/j.catena.2022.106117.
- [9] Chen S Q, Zhang G H, Luo Y F, *et al.* Soil erodibility indicators as affected by water level fluctuations in the Three Gorges Reservoir area, China [J]. CATENA, 2021, **207**, doi: 10.1016/j.catena.2021.105692.
- [10] Zhu K, Ran Y G, Ma M H, *et al.* Ameliorating soil structure for the reservoir riparian: the influences of land use and dam-triggered flooding on soil aggregates [J]. Soil and Tillage Research, 2022, **216**, doi: 10.1016/j.still.2021.105263.
- [11] Ren Z, Qu X D, Zhang M, *et al.* Distinct bacterial communities in wet and dry seasons during a seasonal water level fluctuation in the largest freshwater lake (Poyang Lake) in China [J]. Frontiers in Microbiology, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.01167.
- [12] Ren Q S, Li C X, Yang W H, *et al.* Revegetation of the riparian zone of the Three Gorges Dam Reservoir leads to increased soil bacterial diversity [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, **25**(24): 23748-23763.
- [13] 朱凯, 马茂华, 李文娟, 等. 三峡水库消落带不同土地利用对土壤团聚体稳定性及其碳氮分布的影响[J]. 长江流域资源与环境, 2022, **31**(7): 1503-1513.
- Zhu K, Ma M H, Li W J, *et al.* Effects of land-use types on soil aggregate stability and organic carbon and nitrogen in riparian zone of Three Gorges Reservoir [J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2022, **31**(7): 1503-1513.
- [14] Ye C, Butler O M, Chen C R, *et al.* Shifts in characteristics of the plant-soil system associated with flooding and revegetation in the riparian zone of Three Gorges Reservoir, China [J]. Geoderma, 2020, **361**, doi: 10.1016/j.geoderma.2019.114015.
- [15] 叶琛, 龚宇, 张全发. 三峡库区消落带植物多样性变化规律及其驱动因子研究[J]. 水利水电技术(中英文), 2022, **53**(S1): 54-60.
- Ye C, Gong Y, Zhang Q F. The patterns and driving factors of vegetation diversity in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir [J]. Water Resources and Hydropower Engineering, 2022, **53**(S1): 54-60.
- [16] Gong Y, Ye C, Zhang Q F. Effects of flooding outweigh those of vegetation restoration on key processes of carbon and nitrogen cycling in a degraded riparian zone [J]. CATENA, 2023, **220**, doi: 10.1016/j.catena.2022.106610.
- [17] 朱凯, 马茂华, 李文娟, 等. 三峡水库消落带典型主动与被动修复策略对土壤饱和导水率的影响[J]. 三峡生态环境监测, 2021, **6**(1): 1-7.
- Zhu K, Ma M H, Li W J, *et al.* Effects of active and passive restoration strategy on soil saturated hydraulic conductivity in riparian zone of the Three Gorges Reservoir [J]. Ecology and Environmental Monitoring of Three Gorges, 2021, **6**(1): 1-7.
- [18] Ye F, Ma M H, Wu S J, *et al.* Soil properties and distribution in the riparian zone: the effects of fluctuations in water and anthropogenic disturbances [J]. European Journal of Soil Science, 2019, **70**(3): 664-673.
- [19] Zhu K, Jia W T, Mei Y, *et al.* Shift from flooding to drying enhances the respiration of soil aggregates by changing microbial community composition and keystone taxa [J]. Frontiers in Microbiology, 2023, **14**, doi: 10.3389/fmicb.2023.1167353.
- [20] 袁兴中. 三峡库区澎溪河消落带生态系统修复实践探索[J]. 长江科学院院报, 2022, **39**(1): 1-9.
- Yuan X Z. Practice exploration on ecosystem restoration of water level fluctuating zone in Pengxi River of Three Gorges Reservoir [J]. Journal of Yangtze River Scientific Research Institute, 2022, **39**(1): 1-9.
- [21] 陈鸿飞, 袁嘉, 唐婷, 等. 适应水位变化的鸟类生境修复研究——以三峡水库澎溪河大浪坝为例[J]. 中国园林, 2022, **38**(12): 32-37.
- Chen H F, Yuan J, Tang T, *et al.* Research on the restoration of bird habitats adapting to water-level changes: a case study of Dalangba in Pengxi River, Three Gorges Reservoir [J]. Chinese Landscape Architecture, 2022, **38**(12): 32-37.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] 赵裕栋, 周俊, 何璟. 土壤微生物总DNA提取方法的优化[J]. 微生物学报, 2012, **52**(9): 1143-1150.
- Zhao Y D, Zhou J, He J, *et al.* Optimization of soil microbial DNA isolation [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2012, **52**(9): 1143-1150.
- [24] 郑晓岚, 杨玲, 宋娇, 等. 水库消落带土壤颗粒组成形及其空间分异特征[J]. 水土保持研究, 2022, **29**(1): 66-71.
- Zheng X L, Yang L, Song J, *et al.* Fractal characteristics and spatial variation of soil particle composition in the Reservoir Riparian Zone [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2022, **29**(1): 66-71.
- [25] 王丽君, 程瑞梅, 肖文发, 等. 三峡库区水位消落带土壤pH、阳离子含量随海拔及年际的动态特征[J]. 林业科学研究, 2021, **34**(2): 12-23.
- Wang L J, Cheng R M, Xiao W F, *et al.* Altitude and interannual dynamics of soil pH value and cation contents in water-level-fluctuating vegetation zone in Three Gorges Reservoir area [J]. Forest Research, 2021, **34**(2): 12-23.
- [26] 郭燕, 程瑞梅, 杨邵, 等. 三峡库区不同植被类型消落带土壤重金属含量的时空变异[J]. 生态学杂志, 2018, **37**(8): 2497-2504.
- Guo Y, Cheng R M, Yang S, *et al.* Temporal and spatial variation of soil heavy metal contents in different vegetation types in Three Gorges Reservoir area [J]. Chinese Journal of Ecology, 2018, **37**(8): 2497-2504.
- [27] 高艺伦, 方芳, 唐子超, 等. 三峡库区澎溪河不同高程消落带土壤磷形态及磷酸酶活性分布特征[J]. 环境科学, 2022, **43**(10): 4630-4638.
- Gao Y L, Fang F, Tang Z C, *et al.* Distribution characteristics of soil phosphorus forms and phosphatase activity at different altitudes in the soil of water-level-fluctuation zone in Pengxi River, Three Gorges Reservoir [J]. Environmental Science, 2022, **43**(10): 4630-4638.
- [28] 张志永, 程郁春, 程丽, 等. 三峡库区万州段消落带植被及土壤理化特征分析[J]. 水生态学杂志, 2016, **37**(2): 24-33.
- Zhang Z Y, Cheng Y C, Cheng L, *et al.* Characteristics of vegetation and soil in the water level fluctuation zone of the Wanzhou Region of Three Gorges Reservoir [J]. Journal of Hydroecology, 2016, **37**(2): 24-33.
- [29] 郭燕, 程瑞梅, 肖文发, 等. 三峡库区消落带土壤化学性质年际变化特征[J]. 林业科学, 2019, **55**(4): 22-30.
- Guo Y, Cheng R M, Xiao W F, *et al.* Inter-annual variation of soil chemical properties in the water-level-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2019, **55**(4): 22-30.
- [30] 黄哲, 江长胜, 雷利国, 等. 三峡库区消落带不同淹水期土壤可溶性碳氮的研究[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2018, **40**(1): 98-106.
- Huang Z, Jiang C S, Lei L G, *et al.* Soil dissolved organic carbon and nitrogen in the water-level-fluctuating zone with different

- flooding durations in the Three Gorges Reservoir Region [J]. *Journal of Southwest University (Natural Science Edition)*, 2018, **40**(1): 98-106.
- [31] 王娅微, 陈芳清, 张森, 等. 不同植被恢复模式下三峡库区万州段消落带土壤养分及其空间分布特征[J]. *农业资源与环境学报*, 2016, **33**(2): 127-133.
Wang Y J, Chen F Q, Zhang M, *et al.* Characteristics of soil nutrient and spatial distribution on riparian zone restored by different vegetation restoration methods at Wanzhou section in the Three Gorges Reservoir Area, China [J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2016, **33**(2): 127-133.
- [32] 杨文航, 任庆水, 秦红, 等. 三峡库区消落带不同海拔狗牙根草地土壤微生物生物量碳氮磷含量特征[J]. *草业学报*, 2018, **27**(2): 57-68.
Yang W H, Ren Q S, Qin H, *et al.* Characteristics of soil microbial biomass carbon, nitrogen, and phosphorus under *Cynodon dactylon* vegetation at different altitudes in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Dam Reservoir [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2018, **27**(2): 57-68.
- [33] 谢冬明, 周国宏, 陈亚云, 等. 鄱阳湖湿地洲洲头洲滩浅层土壤氮素的时空特征[J]. *江西师范大学学报(自然科学版)*, 2017, **41**(2): 160-167.
Xie D M, Zhou G H, Chen Y Y, *et al.* The temporal-spatial characteristics for N in surface soil in Sizhoutou Marshland of Poyang Lake wetlands [J]. *Journal of Jiangxi Normal University (Natural Science Edition)*, 2017, **41**(2): 160-167.
- [34] Ahn C, Peralta R M. Soil bacterial community structure and physicochemical properties in mitigation wetlands created in the Piedmont region of Virginia (USA) [J]. *Ecological Engineering*, 2009, **35**(7): 1036-1042.
- [35] 谭雪, 董智, 张丽苗, 等. 三峡库区消落带落羽杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化[J]. *环境科学*, 2023, **44**(3): 1748-1757.
Tan X, Dong Z, Zhang L M, *et al.* Structural diversity and its temporal variation in the soil bacterial community under plantations of *Taxodium distichum* in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir area [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(3): 1748-1757.
- [36] 李姗泽, 邓玥, 施凤宁, 等. 水库消落带研究进展[J]. *湿地科学*, 2019, **17**(6): 689-696.
Li S Z, Deng Y, Shi F N, *et al.* Research progress on water-level-fluctuation zones of reservoirs: a review [J]. *Wetland Science*, 2019, **17**(6): 689-696.
- [37] Cai Y M, Feng M Q, Zhang T. Review of distribution of nitrogen and phosphorus in riparian zones of Chinese inland water bodies [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, **42**(6): 583-592.
- [38] Wang J, Wang D D, Wang B. Soil bacterial diversity and its determinants in the riparian zone of the Lijiang River, China [J]. *Current Science*, 2019, **117**(8): 1324-1332.
- [39] Yang F, Zhang D D, Wu J J, *et al.* Anti-seasonal submergence dominates the structure and composition of prokaryotic communities in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **663**: 662-672.
- [40] 吕渡, 杨亚辉, 赵文慧, 等. 不同恢复类型植被细根分布及与土壤理化性质的耦合关系[J]. *生态学报*, 2018, **38**(11): 3979-3987.
Lü D, Yang Y H, Zhao W H, *et al.* Fine root biomass distribution and coupling to soil physicochemical properties under different restored vegetation types [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(11): 3979-3987.
- [41] 张鸿龄, 王敦誉, 唐雪寒. 辽河保护区河岸带植被类型对土壤性质的影响[J]. *沈阳大学学报(自然科学版)*, 2023, **35**(1): 16-25.
Zhang H L, Wang X Y, Tang X H. Effects of vegetation types on soil physico chemical properties in Liaohe River protected area [J]. *Journal of Shenyang University (Natural Science)*, 2023, **35**(1): 16-25.
- [42] Canarini A, Kaiser C, Merchant A, *et al.* Root exudation of primary metabolites: mechanisms and their roles in plant responses to environmental stimuli [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, **10**, doi: 10.3389/fpls.2019.00157.
- [43] 杨帆, 郝梓君, 黄来明, 等. 华西雨屏区植被恢复对紫色土酸化的影响[J]. *生态学报*, 2022, **42**(4): 1410-1419.
Yang F, Hao Z J, Huang L M, *et al.* Effect of vegetation restoration on purple soil acidification in rainy area of western China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, **42**(4): 1410-1419.
- [44] 许俊丽, 张桂莲, 张希金, 等. 上海市人工林土壤理化性质与群落特征的相关性[J]. *浙江农林大学学报*, 2018, **35**(6): 1017-1026.
Xu J L, Zhang G L, Zhang X J, *et al.* Soil physical and chemical properties and effects of plant community characteristics in forest plantations of Shanghai City [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2018, **35**(6): 1017-1026.
- [45] 李彦杰, 蒋梦芸, 杨俊年, 等. 不同修复植被类型的三峡库区消落带土壤细菌群落分析[J]. *水土保持研究*, 2022, **29**(2): 112-117, 124.
Li Y J, Jiang M Y, Yang J N, *et al.* Analysis of soil bacterial communities in water level fluctuating zone of Three Gorges Reservoir area with different re-vegetation types [J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2022, **29**(2): 112-117, 124.
- [46] 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 等. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究[J]. *土壤学报*, 2017, **54**(3): 735-748.
Dai Y T, Yan Z J, Xie J H, *et al.* Soil bacteria diversity in rhizosphere under two types of vegetation restoration based on high throughput sequencing [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, **54**(3): 735-748.
- [47] 闫冰, 陆晴, 夏嵩, 等. 城市土壤微生物多样性研究进展[J]. *生物多样性*, 2022, **30**(8): 191-204.
Yan B, Lu Q, Xia S, *et al.* An overview of advances in soil microbial diversity of urban environment [J]. *Biodiversity Science*, 2022, **30**(8): 191-204.
- [48] 李君剑, 刘峰, 周小梅. 矿区植被恢复方式对土壤微生物和酶活性的影响[J]. *环境科学*, 2015, **36**(5): 1836-1841.
Li J J, Liu F, Zhou X M. Effects of different reclaimed scenarios on soil microbe and enzyme activities in mining areas [J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(5): 1836-1841.
- [49] 荣丽, 李守剑, 李贤伟, 等. 不同退耕模式细根(草根)分解过程中C动态及土壤活性有机碳的变化[J]. *生态学报*, 2011, **31**(1): 137-144.
Rong L, Li S J, Li X W, *et al.* Carbon dynamics of fine root (grass root) decomposition and active soil organic carbon in various models of land use conversion from agricultural lands into forest lands [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(1): 137-144.
- [50] 杜璨, 许晨阳, 王强, 等. 秦岭红桦林土壤细菌群落剖面分布特征及其影响因素[J]. *环境科学*, 2017, **38**(7): 3010-3019.
Du C, Xu C Y, Wang Q, *et al.* Patterns of bacterial community through soil depth profiles and its influencing factors under *Betula albosinensis* burkill in the Xinjiashan forest region of Qinling Mountains [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(7): 3010-3019.

- [51] 鲜文东, 张潇橦, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, **60**(9): 1801-1820.
Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi* [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- [52] 孙超, 曾湘, 李光玉, 等. 红树林沉积物中天然多聚有机物厌氧降解菌多样性与细菌新类群分离[J]. 微生物学报, 2021, **61**(4): 987-1001.
Sun C, Zeng X, Li G Y, *et al.* Diversity of anaerobic degrading bacteria for natural organic polymers in mangrove sediments and isolation of novel groups of bacteria [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, **61**(4): 987-1001.
- [53] 王露莹, 孙慧珍, 杨雪. 松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性[J]. 环境科学, 2022, **43**(4): 2182-2191.
Wang L Y, Sun H Z, Yang X. Structure and functional diversity of bacterial community in rhizosphere soil of typical vegetation in the riparian zone along the downstream of Songhua River [J]. Environmental Science, 2022, **43**(4): 2182-2191.
- [54] Liu T, Wu X H, Li H W, *et al.* Soil organic matter, nitrogen and pH driven change in bacterial community following forest conversion [J]. Forest Ecology and Management, 2020, **477**, doi: 10.1016/j.foreco.2020.118473.
- [55] Zhou Z H, Wang C K, Luo Y Q. Meta-analysis of the impacts of global change factors on soil microbial diversity and functionality [J]. Nature Communications, 2020, **11** (1), doi: 10.1038/s41467-020-16881-7.
- [56] Wan W J, Hao X L, Xing Y H, *et al.* Spatial differences in soil microbial diversity caused by pH-driven organic phosphorus mineralization [J]. Land Degradation & Development, 2021, **32**(2): 766-776.
- [57] Wan W J, Tan J D, Wang Y, *et al.* Responses of the rhizosphere bacterial community in acidic crop soil to pH: changes in diversity, composition, interaction, and function [J]. Science of the Total Environment, 2020, **700**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134418.
- [58] Scarlett K, Denman S, Clark D R, *et al.* Relationships between nitrogen cycling microbial community abundance and composition reveal the indirect effect of soil pH on oak decline [J]. The ISME Journal, 2021, **15**(3): 623-635.
- [59] 郭银花, 赵洪涛, 高雨, 等. 山西太岳山油松林无机氮添加对土壤微生物养分限制类型的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2022, **28**(1): 137-144.
Guo Y H, Zhao H T, Gao Y, *et al.* Effect of inorganic nitrogen addition on soil microbial nutrient requirement strategy in the *Pinus tabulaeformis* forest in Taiyue Mountain, Shanxi Province [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2022, **28**(1): 137-144.
- [60] 姚兰, 胡立煌, 张焕朝, 等. 黄山土壤细菌群落和酶活性海拔分布特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(2): 859-868.
Yao L, Hu L H, Zhang H C, *et al.* Elevational distribution characteristics of soil bacterial community and enzyme activities in Mount Huangshan [J]. Environmental Science, 2019, **40**(2): 859-868.
- [61] 夏开, 邓鹏飞, 马锐豪, 等. 马尾松次生林转换为湿地松和杉木林对土壤细菌群落结构和多样性的影响[J]. 生态环境学报, 2022, **31**(3): 460-469.
Xia K, Deng P F, Ma R H, *et al.* Changes of soil bacterial community structure and diversity from conversion of masson pine secondary forest to slash pine and Chinese fir plantations [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2022, **31**(3): 460-469.
- [62] 孔培君, 郑洁, 栾璐, 等. 不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌群落、有机碳矿化及玉米产量的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(12): 6047-6057.
Kong P J, Zheng J, Luan L, *et al.* Effects of different types of straw returning on the bacterial community, organic carbon mineralization and maize yield in upland red soil [J]. Environmental Science, 2021, **42**(12): 6047-6057.
- [63] 杨杰, 陈闻, 侯海军, 等. 南方红壤丘陵区土壤细菌对土壤水分和温度的响应差异[J]. 热带作物学报, 2019, **40**(3): 609-615.
Yang J, Chen W, Hou H J, *et al.* Difference in response of soil bacteria to soil moisture and temperature in the hilly red soil region of subtropics of southern China [J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2019, **40**(3): 609-615.

CONTENTS

Spatial Distribution Characteristics of PM _{2.5} and O ₃ in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Time Series Decomposition	YAO Qing, DING Jing, YANG Xu, <i>et al.</i> (2487)
Ozone Sensitivity Analysis in Urban Beijing Based on Random Forest	ZHOU Hong, WANG Ming, CHAI Wen-xuan, <i>et al.</i> (2497)
Prediction of Ozone Pollution in Sichuan Basin Based on Random Forest Model	YANG Xiao-tong, KANG Ping, WANG An-yi, <i>et al.</i> (2507)
Establishment and Effective Evaluation of Haikou Ozone Concentration Statistical Prediction Model	FU Chuan-bo, LIN Jian-xing, TANG Jia-xiang, <i>et al.</i> (2516)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics of Ozone Concentration and Health Benefit Assessment in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from 2015 to 2020	GAO Ran, LI Qin, CHE Fei, <i>et al.</i> (2525)
Water-soluble Inorganic Ion Content of PM _{2.5} and Its Change Characteristics in Urban Area of Beijing in 2022	CHEN Yuan-yuan, CUI Di, ZHAO Ze-xi, <i>et al.</i> (2537)
Pollution Characteristics, Source, and Health Risk Assessment of Metal Elements in PM _{2.5} Between Winter and Spring in Zhengzhou	TAO Jie, YAN Hui-jiao, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (2548)
Characteristics, Sources Apportionment, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs and Their Derivatives Before and After Heating in Zibo City	SUN Gang-li, WU Li-ping, XU Bo, <i>et al.</i> (2558)
Components Characteristic and Source Apportionment of Fine Particulate Matter in Transition Period of Heating Season in Xi'an with High Time Resolution	LI Meng-jin, ZHANG Yong, ZHANG Qian, <i>et al.</i> (2571)
Source and Cause Analysis of High Concentration of Inorganic Aerosol During Two Typical Pollution Processes in Winter over Tianjin	LU Miao-miao, HAN Su-qin, LIU Ke-xin, <i>et al.</i> (2581)
Spatial-temporal Variation and Spatial Differentiation Geographic Detection of PM _{2.5} Concentration in the Shandong Province Based on Spatial Scale Effect	XU Yong, WEI Meng-xin, ZOU Bin, <i>et al.</i> (2596)
Characteristics of VOCs Emissions and Ozone Formation Potential for Typical Chemicals Industry Sources in China	WU Ting, CUI Huan-wen, XIAO Xian-de, <i>et al.</i> (2613)
Formation Potential of Secondary Organic Aerosols and Sources of Volatile Organic Compounds During an Air Pollution Episode in Autumn, Langfang	ZHANG Jing-qiao, LIU Zheng, DING Wen-wen, <i>et al.</i> (2622)
Scale Effects of Landscape Pattern on Impacts of River Water Quality: A Meta-analysis	WANG Yu-cang, DU Jing-jing, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (2631)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter in Inflow Rivers of Baiyangdian Lake Water in Summer Flood Season	MENG Jia-jing, DOU Hong, CHEN Zhe, <i>et al.</i> (2640)
Analysis on Hydrochemical Evolution of Shallow Groundwater East of Yongding River in Fengtai District, Beijing	HU Yu-xin, ZHOU Rui-jing, SONG Wei, <i>et al.</i> (2651)
Hydrochemical Characteristics, Controlling Factors and Water Quality Evaluation of Shallow Groundwater in Tan-Lu Fault Zone (Anhui Section)	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i> (2665)
Effects of Pesticides Use on Pesticides Residues and Its Environmental Risk Assessment in Xingkai Lake (China)	WANG Wei-qing, XU Xiong, LIU Quan-zhen, <i>et al.</i> (2678)
Characteristics of Microorganisms and Antibiotic Resistance Genes of the Riparian Soil in the Lanzhou Section of the Yellow River	WEI Cheng-chen, WEI Feng-yi, XIA Hui, <i>et al.</i> (2686)
Analysis of the Spatiotemporal Distribution of Algal Blooms and Its Driving Factors in Chaohu Lake Based on Multi-source Datasets	JIN Xiao-long, DENG Xue-liang, DAI Rui, <i>et al.</i> (2694)
Characteristics of Epiphytic Bacterial Community on Submerged Macrophytes in Water Environment Supplemented with Reclaimed Water	HE Yun, LI Xue-mei, LI Hong-quan, <i>et al.</i> (2707)
Effects of Water Level Fluctuations and Vegetation Restoration on Soil Prokaryotic Microbial Community Structure in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir	MEI Yu, HUANG Ping, WANG Peng, <i>et al.</i> (2715)
Bacterial Community Structure of Typical Lake Sediments in Yinchuan City and Its Response to Heavy Metals	MENG Jun-jie, LIU Shuang-yu, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i> (2727)
Effect of Thermal Hydrolysis Pretreatment Time on Microbial Community Structure in Sludge Anaerobic Digestion System	ZHANG Han, ZHANG Han, WANG Jia-wei, <i>et al.</i> (2741)
Source Apportionment of Morphine in Wastewater	SHAO Xue-ting, ZHAO Yue-tong, JIANG Bing, <i>et al.</i> (2748)
Ecological Environment Dynamical Evaluation of Hutuo River Basin Using Remote Sensing	LI Yan-cui, YUAN Jin-guo, LIU Bo-han, <i>et al.</i> (2757)
Spatiotemporal Evolution and Influencing Factors of Ecosystem Service Value in the Yellow River Basin	WANG Yi-qi, SUN Xue-ying (2767)
Ecosystem Service Trade-off Synergy Strength and Spatial Pattern Optimization Based on Bayesian Network: A Case Study of the Fenhe River Basin	CAI Jin, WEI Xiao-jian, JIANG Ping, <i>et al.</i> (2780)
Spatial-temporal Evolution and Quantitative Attribution of Habitat Quality in Typical Karst Counties of Guizhou Plateau	LI Yue, FENG Xia, WU Lu-hua, <i>et al.</i> (2793)
Spatial-temporal Variation in NEP in Ecological Zoning on the Loess Plateau and Its Driving Factors from 2000 to 2021	ZHOU Yi-ting, YAN Jun-xia, LIU Ju, <i>et al.</i> (2806)
Land Change Simulation and Grassland Carbon Storage in the Loess Plateau Based on SSP-RCP Scenarios	CUI Xie, DONG Yan, ZHANG Lu-yin, <i>et al.</i> (2817)
Multi-scenario Simulation of Construction Land Expansion and Its Impact on Ecosystem Carbon Storage in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration	WU Ai-bin, CHEN Fu-guo, ZHAO Yan-xia, <i>et al.</i> (2828)
Effects of Land Use Change on Soil Aggregate Stability and Soil Aggregate Organic Carbon in Karst Area of Southwest China	JIANG Ke, JIA Ya-nan, YANG Yan, <i>et al.</i> (2840)
Integrated Analysis of Soil Organic Matter Molecular Composition Changes Under Different Land Uses	HUANG Shi-wei, ZHAO Yi-kai, ZHU Xin-yu, <i>et al.</i> (2848)
Prediction Spatial Distribution of Soil Organic Matter Based on Improved BP Neural Network with Optimized Sparrow Search Algorithm	HU Zhi-ru, ZHAO Wan-fu, SONG Yin-xian, <i>et al.</i> (2859)
Effects of Application of Different Organic Materials on Phosphorus Accumulation and Transformation in Vegetable Fields	SUN Kai, CUI Yu-tao, LI Shun-jin, <i>et al.</i> (2871)
Intensive Citrus Cultivation Suppresses Soil Phosphorus Cycling Microbial Activity	ZHOU Lian-hao, ZENG Quan-chao, MEI Tang-ying-ze, <i>et al.</i> (2881)
Effects of Controlled-release Blended Fertilizer on Crop Yield and Greenhouse Gas Emissions in Wheat-maize Rotation System	GAO Wei, WANG Xue-xia, XIE Jian-zhi, <i>et al.</i> (2891)
Effect of Biochar on NO ₃ ⁻ -N Transport in Loessial Soil and Its Simulation	BAI Yi-ru, LIU Xu, ZHANG Yu-han, <i>et al.</i> (2905)
Analysis and Evaluation of Heavy Metal Pollution in Farmland Soil in China: A Meta-analysis	YANG Li, BAI Zong-xu, BO Wen-hao, <i>et al.</i> (2913)
Critical Review on Heavy Metal Contamination in Urban Soil and Surface Dust	WANG Xiao-yu, LIU En-feng, YANG Xiang-meng, <i>et al.</i> (2926)
Research Progress on Solidification and MICP Remediation of Soils in Heavy Metal Contaminated Site	CHEN Yue-ru, GAO Wen-yan, CHEN Hong-ren, <i>et al.</i> (2939)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil Heavy Metal in Coal Mine Area near the Yellow River in Shandong	DAI Wen-ting, ZHANG Hui, WU Xia, <i>et al.</i> (2952)
Heavy Metal Content and Risk Assessment of Sediments and Soils in the Juma River Basin	HAN Shuang-bao, YUAN Lei, ZHANG Qiu-xia, <i>et al.</i> (2962)
Characteristics, Ecological Risk Assessment, and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in the Yellow River Floodplain of Yinchuan City	YU Lu-jia, MA Hai-jun, WANG Cui-ping (2971)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soils of a City in Guangdong Province Based on Source Oriented and Monte Carlo Models	CHEN Lian, ZOU Zi-hang, ZHANG Pei-zhen, <i>et al.</i> (2983)
Chemical Speciation, Influencing Factors, and Regression Model of Heavy Metals in Farmland of Typical Carbonate Area with High Geological Background, Southwest China	TANG Rui-ling, XU Jin-li, LIU Bin, <i>et al.</i> (2995)
Hg Content Characteristics and Safe Planting Zoning of Paddy Soil and Rice in Guizhou Province	WEI Mei-liu, ZHOU Lang, HUANG Yan-ling, <i>et al.</i> (3005)
Cadmium Phytoremediation Effect of Sweet Sorghum Assisted with Citric Acid on Typical Parent Soil in Southern China	LIU Meng-yu, LUO Xu-feng, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (3016)
Effects of Modified Distillers' Grains Biochar on Cadmium Forms in Purple Soil and Cadmium Uptake by Rice	XIAO Nai-chuan, WANG Zi-fang, YANG Wen-na, <i>et al.</i> (3027)
Effects of Biochar on Growth and Pollutant Accumulation of Lettuce in Soil Co-contaminated with Tetracycline and Copper	ZHENG Chen-ge, PEI Huan-huan, ZHANG Ya-shan, <i>et al.</i> (3037)
Effects of Vermicomposting on Compost Quality and Heavy Metals: A Meta-analysis	JIANG Ji-shao, HOU Rui, CUI Hui-lin, <i>et al.</i> (3047)
Advances in the Effects of Microplastics on Soil N ₂ O Emissions and Nitrogen Transformation	LIU Yi-ge, YANG An-qi, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i> (3059)
Effects of Land Use Patterns on Soil Microplastic Pollution in the Luoshijiang Sub-watershed of Erhai Lake Basin	DAI Liu-yun, HOU Lei, WANG Hua, <i>et al.</i> (3069)
Characteristics of Microplastic Pollution in Sediment of Silty Coast in Culture Bay	SONG Ke-xin, HE Jin-cheng, LI Chang-hua, <i>et al.</i> (3078)
Effect of Polyethylene Microplastics on the Microbial Community of Saline Soils	WANG Zhi-chao, LI Zhe, LI Jia-chen, <i>et al.</i> (3088)
Characterization of Microplastic Surface Bacterial Community Structure and Prediction of Ecological Risk in Poyang Lake, China	YU Jin-li, ZHAO Jun-kai, LUO Si-qi, <i>et al.</i> (3098)
Energy-saving and Emission Reduction Path for Road Traffic in Key Coastal Cities of Guangdong, Fujian and Zhejiang	XU Yi-nuo, WENG Da-wei, WANG Shuo, <i>et al.</i> (3107)
Life Cycle Carbon Reduction Benefits of Electric Heavy-duty Truck to Replace Diesel Heavy-duty Truck	XU Yuan-yuan, GONG De-hong, HUANG Zheng-guang, <i>et al.</i> (3119)